

**Figure 1 [SEQ ID NO:2]**

1/3

1 MLNLENKTYV IMGIANKRSI AFGVAKVLDQ LGAKLVFTYR KERSRKELEK  
51 LLEQLNQPEA HLYQIDVQSD EEVINGFEQI GKDVGNIDGV YHSIAFANME  
101 DLRGRFSETS REGFLLAQDI SSYSLTIVAH EAKKLMPEGG SIVATTYLG  
151 EFAVQYNVM GVAKASLEAN VKYLALDLGP DNIRVNAISA GPRTLAKG  
201 VGGENTILKE IEERAPLKRN VDQVEVGKTA AYLLSDLSSG VTGENIHVDS  
251 GFHAIK

2/3

Figure 2 [SEQ ID NO:1]

1 ATGTTAAATC TTGAAAACAA AACATATGTC ATCATGGGAA TCGCTAATAA  
51 GCGTAGTATT GCTTTTGGTG TCGCTAAAGT TTTAGATCAA TTAGGTGCTA  
101 AATTAGTATT TACTTACCGT AAAGAACGTA GCCGTAAAGA GCTTGAAAAA  
151 TTATTAGAAC AATTAAATCA ACCAGAAGCG CACTTATATC AAATTGATGT  
201 TCAAAGCGAT GAAGAGGTTA TTAATGGTTT TGAGCAAAAT GTAAAGATG  
251 TTGGCAATAT TGATGGTGTA TATCATTTCA TCGCATTTGC TAATAATGGAA  
301 GACTTACGCG GACGCTTTTC TGAAACTTCA CGTGAAGGCT TCCTGTTAGC  
351 TCAAAGACATT AGTTCCTTACT CATTAAACAAT TGTGGCTCAT GAAGCTAAAA  
401 AATTAATGCC AGAAGGTGGT AGCATTGTTG CAACAACATA TTTAGGTGGC  
451 GAATTCGCAG TTCAAAATTA TAATGTGATG GGTGTTGCTA AAGCGAGCTT  
501 AGAAGCAAAT GTTAAATATT TAGCATTAGA CTTAGGTCCCT GATAATATTC  
551 GCGTTAATGC AATTTCAGCT GGTCCAATCC GTACATTAAAG TGCAAAAAGGT  
601 GTGGGTGGTT TCAATACAAT TCCTAAAGAA ATCGAAGAGC GTGCACCTTT

**Figure 2A**

3/3

651 AAAACGTAAC GTTGATCAAG TAGAAGTAGG TAAACACGCG GCTTACTTTRT  
701 TAAGTGACTT ATCAAGTGGC GTTACAGGTG AAAATATTCA TGTAGATAGC  
751 GGATTCCACG CAATTAAATA A